



TITLE:

自由8 霊長類の体毛色多様性に関与する分子遺伝学的機構の解明
(X.共同利用研究 2.共同利用研究成果)

AUTHOR(S):

中山, 一大

CITATION:

中山, 一大. 自由8 霊長類の体毛色多様性に関与する分子遺伝学的機構の解明(X.共同利用研究 2.共同利用研究成果). 霊長類研究所年報 2004, 34: 137-137

ISSUE DATE:

2004-09-30

URL:

<http://hdl.handle.net/2433/166011>

RIGHT:

数では 258 回であったが、立て柱の上まで登るものの、立て柱に挿した弾性ボールのしなりや内側支柱に延びるネットのたわみにより、立て柱の上から柵内へ侵入できた個体は全く認められなかった。カゴ製被覆道具によるカボチャの奪取防止効果は、2 日間で延べ 84 回の試行を繰り返したが、らせん杭で固定するタイプではカゴの浮き上がりがなく成功率は 0%であった。カブサイシンを練り込んだネット被覆によるカボチャの奪取防止効果は実験初日では忌避的な行動が認められたが、2 日目以降は早朝に顔を近づけて奪取しようとする個体が 4 頭認められ、5 日目には歯でネットを噛みちぎってカボチャの奪取に成功した。一方、採食実験の結果、年齢や採食経験にかかわらず嗜好性が低かった品目はハーブであった。

自由 8

霊長類の体毛色多様性に関与する分子遺伝学的機構の解明

中山一大（東京大・理）

アグチパターンは毛の長軸方向に沿って暗帯と明帯が繰り返すもので、哺乳類の体毛に普遍的に存在しており、分子レベルではメラノコルチン 1 レセプター遺伝子 (MC1R) とアグチタンパク質遺伝子 (agouti) によって制御されている形質である。マカクでは、カニクイザル種群、トクザル種群に含まれる種の毛には明確なアグチパターンが存在し、全体的な体毛色が明灰色から暗褐色であるのに対して、シシオザル種群ではアグチパターンは明確でなく、体毛色は総じて黒い。このようなマカクにおける体毛色の多様性と MC1R ならびに agouti の多様性との関連性を探るべく、マカク数種について両遺伝子の塩基配列をダイレクトシーケンシング法で決定した。今回の調査では、両遺伝子のコード領域上にはマカクの体毛色多様性に決定的な役割を果たしていると考えられる変異は発見されなかった。しかし、agouti の塩基配列を分子進化学的に解析することによって、トクザル種群、カニクイザル種群では非同義置換率が同義置換率より低いのに対して、シシオザル種群では非同義置換率が同義置換率よりも高くなっていることが明らかになった。シシオザル種群では、明瞭なアグチパターンが喪失したことによって、agouti のコード領域に作用してきた機能的制約が緩和したためと考えられる。

自由 10

旧世界ザルおよび新世界ザルを利用した cDNA サブトラクション法による種特異的発現遺伝子の検索

郷 康広（総合研究大学院大・先端科学）

本研究は、種の個別性・特異性の遺伝的基盤を明らかにするために、ヒト・旧世界ザル・新世界ザルの各臓器において種特異的に発現している（もしくは発現していない）遺伝子を探索することを目的とした。

本年度は、方法の確立を行うため、比較的容易に実験材料を手に入れる事ができ、また、ゲノムデータベースおよび発現遺伝子データベースが充実しているヒトおよびマウスを対象として実験を行った。ヒトにおける発現抑制遺伝子および偽遺伝子を探索するために上皮に注目した。ヒト化における体毛消失 (hair loss) の機構を明らかにするために、上皮における発現遺伝子のうち双方で同程度発現しているものを除き (サブトラクトし)、ヒトで発現が抑制されている候補遺伝子を 51 種類同定した。その候補遺伝子を問い合わせ配列としてデータベース検索した結果、全ての遺伝子が、マウスと比較して発現は抑制されているものの、遺伝子として機能を失って (偽遺伝子化) はいなかった。ただし、発現抑制遺伝子の中には、機能未知のノンコード RNA (タンパク質に翻訳されず RNA が遺伝子の最終産物として機能する遺伝子) が多数見つかった。本共同利用研究において方法の確立ができたので、次年度